

Стохастическое моделирование распространения эпидемии на основе немарковского подхода

Логинов К.К., Перцев Н.В.

Институт математики им. С. Л. Соболева СО РАН, Новосибирск

International Conference "New Trends of Stochastic Analysis — 2021"
(NTSA-2021), 1—5 июня 2021 г.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда
фундаментальных исследований в рамках научного проекта
№ 20-04-60157

Введение

Пандемия COVID-19 инфекции привела к активной разработке математических моделей, отражающих динамику численности инфицированных, больных и умерших от COVID-19 индивидуумов.

Для анализа реальных данных и прогнозирования динамики эпидемического процесса используются методы решения обратных задач для дифференциальных уравнений, модели временных рядов и модели других типов.

Цель работы: исследование динамики численности населения региона в зависимости от вариантов передачи инфекции между индивидуумами на основе стадия-зависимой стохастической модели.

Для построения модели используется непрерывно-дискретный случайный процесс, учитывающий взаимодействия (контакты) индивидуумов и прохождение индивидуумами различных стадий инфекционного заболевания. Распределение длительностей различных стадий инфекционного заболевания отлично от экспоненциального, что приводит к необходимости учета предыстории развития когорт индивидуумов.

Обозначения когорт индивидуумов

Инфекция распространяется среди населения региона, представленного в терминах нескольких когорт индивидуумов. Введем обозначения:

$$J_3 = \{1, 2, 3\}, \quad J_5 = \{1, 2, 3, 4, 5\}.$$

Индексы для параметрического описания индивидуумов:

- $k, \nu \in J_5$ — номер социально-демографической группы, к которой принадлежит индивидуум (например, индивидуумы в возрасте 11–17 лет, 17–25 лет, 25–40 лет, 40–65 лет, старше 65 лет);
- $n, m \in J_3$ — уровень контактности индивидуумов (низкий, средний, высокий);
- $\alpha, \beta, \gamma \in J_3$ — уровень иммунитета индивидуумов (низкий, средний, высокий);
- $\theta, \eta \in J_3$ — уровень заразности больных индивидуумов (низкий, средний, высокий);
- $\varphi, \psi \in J_3$ — форма тяжести заболевания больных индивидуумов (легкая или бессимптомная, средняя, тяжелая).

Обозначения когорт индивидуумов

Каждый индивидуум региона находится в одной из следующих когорт:

- $S = \{S_{k,n,\alpha}\}$, $S_{k,n,\alpha}$ — восприимчивый к инфекции индивидуум, принадлежащий социально-демографической группе с номером k , обладающий уровнем контактности n и уровнем иммунитета α ;
- $I = \{I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}\}$, $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$ — невыявленный больной индивидуум, находящийся на самоизлечении в домашних условиях, принадлежащий социально-демографической группе с номером k , обладающий уровнем контактности n , уровнем иммунитета α , уровнем заразности θ , формой φ тяжести заболевания;
- $L = \{L_{k,n,\alpha,\theta}\}$, $L_{k,n,\alpha,\theta}$ — латентно-инфицированный (незаразный) индивидуум, принадлежащий социально-демографической группе с номером k , обладающий уровнем контактности n и уровнем иммунитета α , который был инфицирован после контакта с невыявленным больным индивидуумом, имеющим уровень заразности θ ;

Обозначения когорт индивидуумов

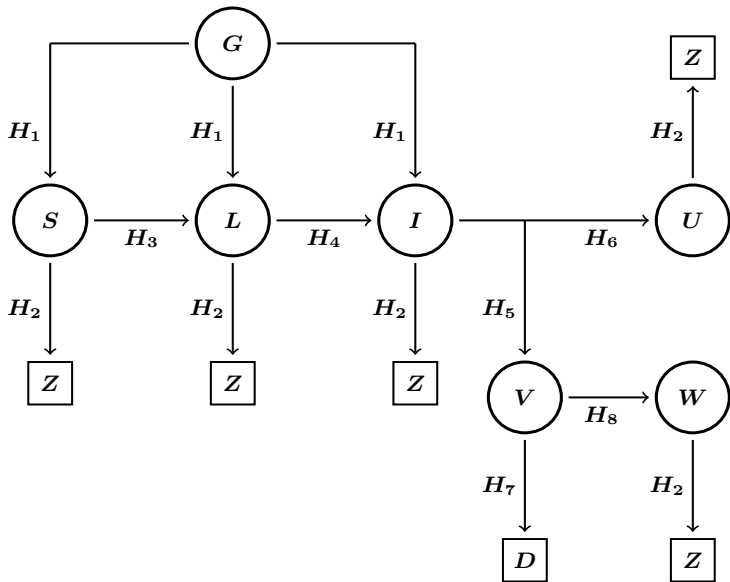
- $U = \{U_{k,n,\gamma}\}$, $U_{k,n,\gamma}$ — переболевший индивидуум, представляющий собой самоизлечившегося невыявленного больного индивидуума, принадлежащего социально-демографической группе с номером k , обладающего уровнем контактности n и уровнем γ иммунитета к инфекции;
- $V = \{V_{k,n,\alpha,\varphi}\}$, $V_{k,n,\alpha,\varphi}$ — изолированный больной индивидуум, принадлежащий социально-демографической группе с номером k , обладающий уровнем контактности n , уровнем иммунитета α , имеющий форму φ тяжести заболевания, находящийся на амбулаторном лечении в домашних условиях или лечении в медицинском учреждении в зависимости от значений индексов k и φ ;
- $W = \{W_{k,n,\gamma}\}$, $W_{k,n,\gamma}$ — переболевший индивидуум, вылеченный амбулаторно в домашних условиях или в медицинском учреждении, принадлежащий социально-демографической группе с номером k , обладающий уровнем контактности n и уровнем γ иммунитета к инфекции;

Обозначения когорт индивидуумов

- D — все умершие от инфекции индивидуумы;
- Z — все индивидуумы, покинувшие рассматриваемый регион вследствие миграционных процессов или умершие от причин, не связанных с инфекцией;
- G — все индивидуумы, прибывающие в рассматриваемый регион и способные пополнять когорты S , L , I (внешний источник поступления индивидуумов).

В модели не учитывается введение карантина, самоизоляция индивидуумов, вакцинация населения и возможное повторное заражение переболевших индивидуумов.

Схематическое представление модели



Предположения в модели

Н1. Приток индивидуумов когорт S , L , I из внешнего источника G с интенсивностями $r_{S,k,n,\alpha} \geq 0$, $r_{L,k,n,\alpha,\theta} \geq 0$, $r_{I,k,n,\alpha,\theta,\varphi} \geq 0$:

$$G \xrightarrow{r_{S,k,n,\alpha}} G + S_{k,n,\alpha}, \quad G \xrightarrow{r_{L,k,n,\alpha,\theta}} G + L_{k,n,\alpha,\theta}, \quad G \xrightarrow{r_{I,k,n,\alpha,\theta,\varphi}} G + I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}.$$

При этом $r_{S,k,n,\alpha} > 0$ при некоторых $k \in J_5$, $n, \alpha \in J_3$.

Н2. Естественная гибель и миграция индивидуумов с интенсивностью $\mu_k > 0$ в расчете на одного индивидуума:

$$S_{k,n,\alpha} \xrightarrow{\mu_k} Z, \quad L_{k,n,\alpha,\theta} \xrightarrow{\mu_k} Z, \quad I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi} \xrightarrow{\mu_k} Z, \\ U_{k,n,\gamma} \xrightarrow{\mu_k} Z, \quad W_{k,n,\gamma} \xrightarrow{\mu_k} Z.$$

Погибший или покинувший регион индивидуум когорт $L_{k,n,\alpha,\theta}$, $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$ исключается из соответствующей когорты по классической (урновой) схеме.

Н3. Инфицирование восприимчивых $S_{k,n,\alpha}$ при контакте с невыявленными больными $I_{\nu,m,\beta,\eta,\psi}$ с интенсивностью $\hat{I}_{k,n,\alpha,\nu,m,\eta,\psi} > 0$ в расчете на одну пару этих индивидуумов:

$$S_{k,n,\alpha} + I_{\nu,m,\beta,\eta,\psi} \xrightarrow{\hat{I}_{k,n,\alpha,\nu,m,\eta,\psi}} L_{k,n,\alpha,\eta} + I_{\nu,m,\beta,\eta,\psi}.$$

Предположения в модели

H4. Переход в момент времени $t_L + \omega_{L,\alpha,\eta}$ (t_L — момент появления индивидуума L), $\omega_{L,\alpha,\eta} > 0$, латентно-инфицированного индивидуума $L_{k,n,\alpha,\eta}$ в индивидуума когорты $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$ с вероятностью $q_{\theta,\varphi}(k, \alpha, \eta)$ (при условии отсутствия миграции и естественной гибели):

$$L_{k,n,\alpha,\eta}|_{t_L} \longrightarrow \{q_{\theta,\varphi}(k, \alpha, \eta), I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}, \theta, \varphi \in J_3\}|_{t_L + \omega_{L,\alpha,\eta}},$$
$$0 \leq q_{\theta,\varphi}(k, \alpha, \eta) \leq 1, \quad \sum_{\theta \in J_3} \sum_{\varphi \in J_3} q_{\theta,\varphi}(k, \alpha, \eta) = 1.$$

H5. Невыявленные больные индивидуумы $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$ вследствие развития (выявления) заболевания становятся изолированными больными индивидуумами $V_{k,n,\alpha,\varphi}$ с интенсивностью $g_{k,\varphi} \geq 0$ в расчете на одного индивидуума:

$$I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi} \xrightarrow{g_{k,\varphi}} V_{k,n,\alpha,\varphi}.$$

Индивидуум, покинувший когорту $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$, исключается из нее по классической (урновой) схеме.

Предположения в модели

H6. Переход в момент времени $t_I + \omega_{I,k,\varphi}$ (t_I — момент появления индивидуума I), $\omega_{I,k,\varphi} > 0$, невыявленного больного индивидуума $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$ в индивидуума когорты $U_{k,n,\gamma}$ (выздоровление) при условии отсутствия миграции и естественной гибели, а также отсутствия изоляции, т.е. перехода в V :

$$I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi} |_{t_I} \longrightarrow U_{k,n,\gamma} |_{t_I + \omega_{I,k,\varphi}},$$

где индекс γ задается детерминированной зависимостью $\gamma = \gamma(\alpha, \varphi)$.

H7. Гибель индивидуумов $V_{k,n,\alpha,\varphi}$ от инфекции с интенсивностью $\rho_{k,\varphi} \geq 0$ в расчете на одного индивидуума:

$$V_{k,n,\alpha,\varphi} \xrightarrow{\rho_{k,\varphi}} D.$$

Индивидуум, покинувший когорту $V_{k,n,\alpha,\varphi}$, исключается из нее по классической (урновой) схеме.

H8. Переход в момент времени $t_V + \omega_{V,k,\varphi}$ (t_V — момент появления индивидуума V), $\omega_{V,k,\varphi} > 0$, изолированного больного индивидуума $V_{k,n,\alpha,\varphi}$ в индивидуума когорты $W_{k,n,\gamma}$ (выздоровление) при условии, что он не погиб от инфекции:

$$V_{k,n,\alpha,\varphi} |_{t_V} \longrightarrow W_{k,n,\gamma} |_{t_V + \omega_{V,k,\varphi}},$$

где индекс γ задается детерминированной зависимостью $\gamma = \gamma(\alpha, \varphi)$.

Стохастическая модель распространения эпидемии

Модель описывается случайным процессом $Z(t) = (X(t), \Omega(t))$, где

$$X(t) = (S_{k,n,\alpha}(t), L_{k,n,\alpha,\eta}(t), I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}(t), U_{k,n,\gamma}(t), V_{k,n,\alpha,\varphi}(t), W_{k,n,\gamma}(t))$$

вектор, содержащий численность всех когорт индивидуумов в момент времени t ;

$$\Omega(t) = \left(\widehat{L}_{k,n,\alpha,\eta}(t), \widehat{I}_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}(t), \widehat{V}_{k,n,\alpha,\varphi}(t) \right), \quad k \in J_5, \quad n, \alpha, \gamma, \theta, \eta, \varphi \in J_3,$$

$\widehat{L}_{k,n,\alpha,\eta}(t)$, $\widehat{I}_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}(t)$, $\widehat{V}_{k,n,\alpha,\varphi}(t)$ — семейства уникальных типов (точечные распределения) индивидуумов когорт $L_{k,n,\alpha,\eta}$, $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$, $V_{k,n,\alpha,\varphi}$ соответственно, существующих в момент времени t и различающихся моментами времени поступления в соответствующие когорты и моментами завершения пребывания в этих когортах.

Стохастическая модель распространения эпидемии

Семейство уникальных типов $\widehat{L}_{k,n,\alpha,\eta}(t)$ задается следующим образом:

$$\widehat{L}_{k,n,\alpha,\eta}(t) = \left\{ t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(1)} + \omega_{L,\alpha,\eta}; \dots; t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(N_L)} + \omega_{L,\alpha,\eta} \right\}, \quad N_L = L_{k,n,\alpha,\eta}(t) > 0,$$

$$0 < t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(1)} < \dots < t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(N_L)} \leq t < t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(1)} + \omega_{L,\alpha,\eta} < \dots < t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(N_L)} + \omega_{L,\alpha,\eta},$$

где $t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(i)}$ — момент появления индивидуума когорты $L_{k,n,\alpha,\eta}$, $i = 1, \dots, N_L$;

$t_{L,k,n,\alpha,\eta}^{(i)} + \omega_{L,\alpha,\eta}$ — момент превращения индивидуума $L_{k,n,\alpha,\eta}$ в индивидуума когорты $I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}$ (без учета естественной гибели и миграции).

В случае $L_{k,n,\alpha,\eta}(t) = 0$ полагаем $\widehat{L}_{k,n,\alpha,\eta}(t) = \emptyset$.

Построение семейств уникальных типов $\widehat{I}_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}(t)$, $\widehat{V}_{k,n,\alpha,\varphi}(t)$ производится аналогичным образом.

Алгоритм численного моделирования

Начальные данные

Полагаем $t_0 = 0$; $Z(t_0) = (X(t_0), \Omega(t_0))$, $S_{k,n,\alpha}(0) = S_{k,n,\alpha}^{(0)} \geq 0$,

$$L_{k,n,\alpha,\eta}(0) = I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}(0) = U_{k,n,\gamma}(0) = V_{k,n,\alpha,\varphi}(0) = W_{k,n,\gamma}(0) = 0,$$

$$\widehat{L}_{k,n,\alpha,\eta}(t_0) = \emptyset, \widehat{I}_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}(t_0) = \emptyset, \widehat{V}_{k,n,\alpha,\varphi}(t_0) = \emptyset.$$

Изменение состояния

Для описания динамики $Z(t)$ используются рекуррентные соотношения:

$$t_{k+1} = t_k + \Delta(t_k), \quad k = 0, 1, 2, \dots,$$

$$X(t_{k+1}) = X(t_k) \pm \Delta(X(t_k)), \quad \Omega(t_{k+1}) = \Omega(t_k) \pm \Delta(\Omega(t_k)),$$

где $\Delta(t_k)$, $\Delta(X(t_k))$ — последовательности случайных величин с законами распределения, которые выводятся на основе предположений модели; приращения $\Delta(\Omega(t_k))$ — элементы семейства $\Omega(t_k)$, исключаемые из его некоторых компонент или пополняющие некоторые компоненты.

Вычислительные эксперименты

Цель вычислительных экспериментов: исследование динамики численности когорт для наборов параметров, отражающих различные варианты передачи инфекции между индивидуумами (распространение инфекции в течение первых нескольких месяцев от начала развития эпидемического процесса).

Представленные ниже варианты передачи инфекции между индивидуумами предложены А.Н. Лукашевым (Сеченовский университет).

- **Вариант А.** К супер–распространителям отнесем индивидуумов когорт $I_{2,3,\beta,3,1}$, $I_{3,3,\beta,3,1}$, $I_{4,3,\beta,3,1}$, $\beta = 1, 2, 3$. В этом случае уровень контактности $m = 3$, тяжесть заболевания $\psi = 1$, уровень заразности $\eta = 3$ этих индивидуумов обеспечивают наибольшее значение интенсивности контактов $f_{k,n,\alpha,2,3,3,1}$, $f_{k,n,\alpha,3,3,3,1}$, $f_{k,n,\alpha,4,3,3,1}$ с индивидуумами $S_{k,n,\alpha}$ при фиксированных k , n , α .
- **Вариант Б.** К супер–распространителям отнесем индивидуумов, биологически предрасположенных к хорошей переносимости инфекции и активному выделению вирусных частиц в окружающую среду. Под такими индивидуумами будем понимать индивидуумов $I_{\nu,m,3,3,1}$, $\nu = 2, 3, 4$, $m = 1, 2, 3$. В этом варианте уровень иммунитета $\beta = 3$, уровень заразности $\eta = 3$, тяжесть заболевания $\psi = 1$ этих индивидуумов обеспечивают наибольшее значение интенсивности контактов $f_{k,n,\alpha,\nu,m,3,1}$ с индивидуумами когорт $S_{k,n,\alpha}$ при фиксированных k , n , α , ν , m .

Вычислительные эксперименты

Интенсивности контактов между восприимчивыми индивидуумами $S_{k,n,\alpha}$ и невыявленными больными индивидуумами когорты $I_{\nu,m,\beta,\eta,\psi}$:

$$\dot{f}_{k,n,\alpha,\nu,m,\eta,\psi} = \dot{f}_{k,\nu}^* \frac{c_1 n m \eta}{(1 + c_2 \alpha)(1 + c_3 \psi)},$$

где $c_1 > 0$, $c_2 > 0$, $c_3 > 0$ — некоторые константы. Множитель $\dot{f}_{k,\nu}^* > 0$ учитывает интенсивность контактов индивидуумов только в зависимости от номеров их групп, при этом $\dot{f}_{k,\nu}^* = \dot{f}_{\nu,k}^*$ для всех значений индексов k , ν .

На данном предварительном этапе исследования значения параметров модели задавались, исходя из экспертной оценки по общедоступным данным.

Вычислительные эксперименты

Обозначим

$$S(t) = \sum_{k \in J_5} \sum_{n \in J_3} \sum_{\alpha \in J_3} S_{k,n,\alpha}(t), \quad I(t) = \sum_{k \in J_5} \sum_{n \in J_3} \sum_{\alpha \in J_3} \sum_{\theta \in J_3} \sum_{\varphi \in J_3} I_{k,n,\alpha,\theta,\varphi}(t),$$

$$L(t) = \sum_{k \in J_5} \sum_{n \in J_3} \sum_{\alpha \in J_3} \sum_{\theta \in J_3} L_{k,n,\alpha,\theta}(t), \quad U(t) = \sum_{k \in J_5} \sum_{n \in J_3} \sum_{\alpha \in J_3} U_{k,n,\alpha}(t),$$

$$V(t) = \sum_{k \in J_5} \sum_{n \in J_3} \sum_{\alpha \in J_3} \sum_{\varphi \in J_3} V_{k,n,\alpha,\varphi}(t), \quad W(t) = \sum_{k \in J_5} \sum_{n \in J_3} \sum_{\alpha \in J_3} W_{k,n,\alpha}(t)$$

общую численность когорт S, I, L, U, V, W в момент времени $t \geq 0$ соответственно. Начальные численности когорт во всех экспериментах:

$$S(0) = 10^6, \quad I(0) = L(0) = U(0) = V(0) = W(0) = 0.$$

Пусть $\tilde{S}_k(0) = \sum_{n \in J_3} \sum_{\alpha \in J_3} S_{k,n,\alpha}(0)$ — общая начальная численность индивидуумов возрастной группы $k \in J_5$. Примем, что во всех экспериментах $\tilde{S}_k(0)$ составляет, соответственно, 10%, 20%, 25%, 30%, 15% от общей численности $S(0)$ восприимчивых индивидуумов для $k = 1, 2, 3, 4, 5$:

$$\tilde{S}_1(0) = 10^5, \quad \tilde{S}_2(0) = 2 \cdot 10^5,$$

$$\tilde{S}_3(0) = 2.5 \cdot 10^5, \quad \tilde{S}_4(0) = 3 \cdot 10^5, \quad \tilde{S}_5(0) = 1.5 \cdot 10^5.$$

Вычислительные эксперименты

При проведении вычислительных экспериментов варьировалось распределение численности когорт $S_{k,n,\alpha}$ на момент $t = 0$ начала распространения эпидемии. Примем, что варьируемые значения $S_{k,n,\alpha}(0)$ затрагивают когорты, индексы которых соответствуют k, n, α , указанным в вариантах **A** и **B**.

Для сравнения вариантов **A** и **B** используем величину T_* — момент времени, когда переменная $V(t)$ впервые достигнет порогового уровня $V_* = 20000$. Пороговый уровень V_* может означать, например, количество всех имеющихся коек в специализированных больницах.

Моделирование осуществлялось с использованием метода Монте–Карло на промежутке $[0; 250]$ суток. Количество независимых реализаций изучаемого случайного процесса равно $N = 100$.

При моделировании применялись датчики псевдослучайных чисел, описанные в работах:

- Михайлов Г.А., Войтишек А.В. Численное статистическое моделирование. Методы Монте–Карло. М.: Академия, 2006. 368 с.
- Marchenko M.A., Mikhailov G.A., Russ. J. Numer. Anal. Math. Modelling, 2002, V. 17, P. 113—124.

Вычислительные эксперименты

Обозначим через $\check{S}_{k,n}(0) = \sum_{\alpha \in J_3} S_{k,n,\alpha}(0)$ начальную численность индивидуумов S фиксированной возрастной группы k с фиксированным уровнем контактности n .

Начальные численности $S_{k,n,\alpha}(0)$ для экспериментов 1–6.

Эксперимент 1	$S_{k,n,\alpha}(0)$ распределены по уровням контактности и иммунитета (индексы n, α) практически равными долями от $\check{S}_k(0)$
Эксперимент 2	$\check{S}_{k,1}(0) - 80\%$, $\check{S}_{k,2}(0)$, $\check{S}_{k,3}(0) - 10\%$ от $\check{S}_k(0)$; $S_{k,n,\alpha}(0)$, $\alpha = 1, 2, 3$, составляет треть от $\check{S}_{k,n}(0)$
Эксперимент 3	$\check{S}_{k,1}(0) - 60\%$, $\check{S}_{k,2}(0)$, $\check{S}_{k,3}(0) - 20\%$ от $\check{S}_k(0)$; $S_{k,n,\alpha}(0)$, $\alpha = 1, 2, 3$, составляет треть от $\check{S}_{k,n}(0)$
Эксперимент 4	$\check{S}_{k,1}(0) - 60\%$, $\check{S}_{k,2}(0)$, $\check{S}_{k,3}(0) - 20\%$ от $\check{S}_k(0)$; $S_{k,n,1}(0)$, $S_{k,n,2}(0) - 5\%$, $S_{k,n,3}(0) - 90\%$ от $\check{S}_{k,n}(0)$
Эксперимент 5	$\check{S}_{k,1}(0)$, $\check{S}_{k,2}(0) - 5\%$, $\check{S}_{k,3}(0) - 90\%$ от $\check{S}_k(0)$; $S_{k,n,\alpha}(0)$, $\alpha = 1, 2, 3$, составляет треть от $\check{S}_{k,n}(0)$
Эксперимент 6	$\check{S}_{k,1}(0)$, $\check{S}_{k,2}(0) - 5\%$, $\check{S}_{k,3}(0) - 90\%$ от $\check{S}_k(0)$; $S_{k,n,1}(0)$, $S_{k,n,2}(0) - 10\%$, $S_{k,n,3}(0) - 80\%$ от $\check{S}_{k,n}(0)$

Вычислительные эксперименты

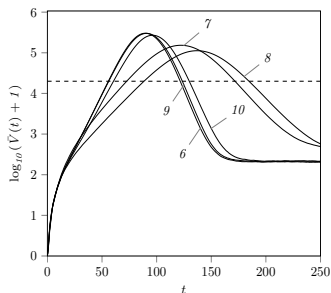
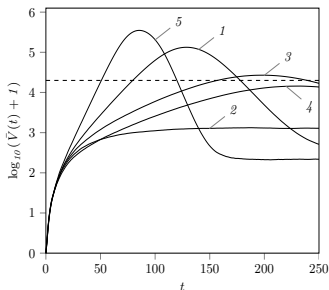
Обозначим через $\hat{S}_{k,\alpha}(0) = \sum_{n \in J_3} S_{k,n,\alpha}(0)$ начальную численность индивидуумов S фиксированной возрастной группы k с фиксированным уровнем иммунитета α .

В экспериментах 7–10 для $k = 1, 5$, численности групп $S_{k,n,\alpha}(0)$, $n, \alpha \in J_3$ задаются также, как в эксперименте 1.

Начальные численности $S_{k,n,\alpha}(0)$ для экспериментов 7–10.

Эксперимент 7	$\hat{S}_{k,1}(0) - 70\%$, $\hat{S}_{k,2}(0) - 20\%$, $\hat{S}_{k,3}(0) - 10\%$ от $\tilde{S}_k(0)$; $S_{k,n,\alpha}(0)$, $n = 1, 2, 3$, составляет треть от $\hat{S}_{k,\alpha}(0)$, ($k = 2, 3, 4$)
Эксперимент 8	$\hat{S}_{k,1}(0)$, $\hat{S}_{k,2}(0) - 10\%$, $\hat{S}_{k,3}(0) - 80\%$ от $\tilde{S}_k(0)$ ($k = 2, 3, 4$); $S_{k,n,\alpha}(0)$, $n = 1, 2, 3$, составляет треть от $\hat{S}_{k,\alpha}(0)$
Эксперимент 9	$\hat{S}_{k,1}(0)$, $\hat{S}_{k,2}(0) - 10\%$, $\hat{S}_{k,3}(0) - 80\%$ от $\tilde{S}_k(0)$ ($k = 2, 3, 4$); $S_{k,1,\alpha}(0)$, $S_{k,2,\alpha}(0) - 5\%$, $S_{k,3,\alpha}(0) - 90\%$ от $\hat{S}_{k,\alpha}(0)$
Эксперимент 10	$\hat{S}_{k,1}(0)$, $\hat{S}_{k,2}(0) - 5\%$, $\hat{S}_{k,3}(0) - 90\%$ от $\tilde{S}_k(0)$ ($k = 2, 3, 4$); $S_{k,1,\alpha}(0)$, $S_{k,2,\alpha}(0) - 10\%$, $S_{k,3,\alpha}(0) - 80\%$ от $\hat{S}_{k,\alpha}(0)$

Вычислительные эксперименты



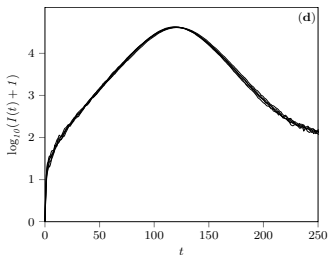
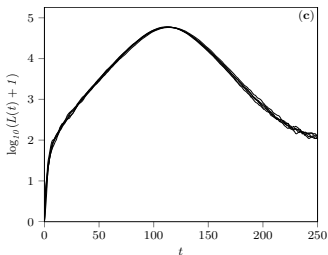
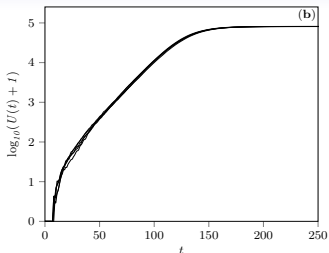
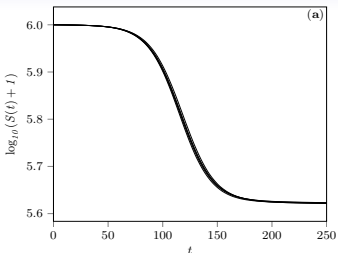
Динамика $\log_{10}(\bar{V}(t) + 1)$ в экспериментах 1–10 ($\bar{V}(t)$ — точечная оценка математического ожидания $EV(t)$; время t выражено в сутках)

Интервальные оценки ET_* на уровне доверия 0.95

Эксперимент	1	2	3	4	5
ET_* , сутки	79.6 ± 0.55	—	157 ± 1.86	—	50.84 ± 0.33
Эксперимент	6	7	8	9	10
ET_* , сутки	55.91 ± 0.44	72.7 ± 0.58	88.62 ± 0.87	56.26 ± 0.38	61 ± 0.43

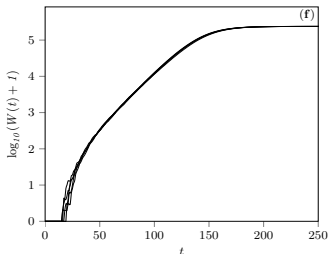
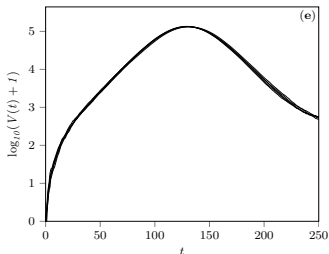
Знак «—» означает, что за промежуток моделирования $[0; 250]$ суток пороговое значение $V_* = 20000$ не достигается.

Вычислительные эксперименты



Эксперимент 1: пять типичных реализаций переменных $\log_{10}(S(t) + 1)$ (a), $\log_{10}(U(t) + 1)$ (b), $\log_{10}(L(t) + 1)$ (c), $\log_{10}(I(t) + 1)$ (d) (время t выражено в сутках)

Вычислительные эксперименты



Эксперимент 1: пять типичных реализаций переменных $\log_{10}(V(t) + 1)$ (e), $\log_{10}(W(t) + 1)$ (f) (время t выражено в сутках)

Вывод: приведенные результаты говорят о том, что основную роль в распространении инфекции играет относительно малый или большой процент первоначально существующих восприимчивых индивидуумов с высоким уровнем контактности, а имеющийся уровень иммунитета не приводит к существенному изменению закономерностей динамики распространения инфекции.

**Стохастическое моделирование распространения эпидемии
на основе немарковского подхода**

Благодарю за внимание